

**Analisis Keragaman Sekuens *Potyvirus* Sebagai Dasar Untuk  
Perakitan Tanaman Unggul dan Tahan Terhadap Penyakit Yang  
Disebabkan Oleh *Potyviral* Melalui Rekayasa Genetik**

**Muhammad Danial Rahim, Andi Nasruddin dan Rinaldi Sjahril**

Fakultas Pertanian, Universitas Hasanuddin  
Makassar 90245

**ABSTRAK**

Salah satu kendala dalam proses produksi pertanian adalah adanya serangan penyakit tanaman, khususnya patogen virus penyebab penyakit. *Potyvirus* merupakan kelompok virus yang tergolong sebagai salah satu penyebab penyakit penting dengan kisaran tanaman inang yang sangat luas. Perkembangan bioteknologi berbasis biologi molekuler dapat digunakan untuk membantu dalam pengelolaan penyakit virus melalui pendekatan biologi, ekologi, dan epidemiologi penyakit. Oleh karena dalam penelitian ini memanfaatkan pendekatan biologi molekuler untuk karakterisasi populasi genetik *potytirus* yang menginfeksi tanaman pada komoditas unggulan dan tanaman lainnya dengan pengembangan teknik diagnosis penyakit, deteksi infeksi virus secara dini, cepat dan akurat untuk perakitan tanaman tahan virus melalui rekayasa genetik. Penelitian tahun pertama ini bertujuan untuk mengetahui keberadaan beberapa jenis virus dan variabilitas genetik *potyvirus* yang menginfeksi beberapa komoditas pertanian unggulan di Sulawesi Selatan sebagai informasi penting untuk menciptakan tanaman unggul dan tahan terhadap *potyviral* sehingga menjadi dasar untuk pengembangan tanaman transgenik skala produksi dan dimanfaatkan dalam penerapan teknologi pengendalian penyakit terpadu untuk peningkatan produktivitas pertanian serta memperkuat ketahanan pangan. Penelitian ini direncanakan berlangsung selama tiga tahun dan pada tahun pertama ini meliputi : 1) koleksi material tanaman terinfeksi potyvirus, dan propagasi isolat-isolat virus dan tanaman terinfeksi virus pada tanaman indikator, 2) pengujian serologi dan deteksi infeksi *potyvirus* dengan menggunakan metode *polymerase chain reaction* dan optimasinya, 3), karakteristik penularan virus, 4) isolasi dan purifikasi produk amplifikasi DNA potyvirid, 5) sekuensing dan 6) analisis sekuens, analisis filogenetik, distribusi, dan evolusi potyvirus.

Hasil penelitian tahun pertama ini menunjukkan beberapa jenis virus dalam kelompok potyvirus telah menginfeksi beberapa jenis tanaman di Sulawesi Selatan. Potyvirus terindikasi menginfeksi beberapa tanaman inang alternatif di Sulawesi Selatan, dan virus-virus yang menyerang beberapa jenis tanaman diduga memiliki keragaman genetik berdasarkan diagnosis uji biologi dengan inang alternatif dan hasil uji serologi dan karakter molekuler menggunakan metode RT-PCR. Hasil sekuensing yang sementara dilakukan akan memberikan keakuratan data *phylogeny* serta *framework* filogenetik, epedimiologi, dan evolusi dari kelompok *potyvirus* yang bermanfaat dalam tahapan penelitian tahun kedua.

***Kata kunci : RT-PCR, Keragaman genetik, dan potyvirus***

# **Sequence Variability Analysis of *Potyvirus* as a Based on Assembling a Superior and Resistant Crop Against Potyviral Disease by Using Genetic Engineering**

**Muhammad Danial Rahim, Andi Nasruddin dan Rinaldi Sjahril**

Faculty of Agriculture, Hasanuddin University  
Makassar 90245

## **ABSTRACT**

Viruses are considered one of the major constraints to agricultural production. Potyviruses are mainly transmitted by aphids in a non-persistent manner and infect a wide range of crops in which they cause significant losses. Some of them can also be transmitted through the seed of some of their hosts. Furthermore, they are transmitted in infected plant material such as cuttings and tubers. Although worldwide in their distribution, they are most prevalent in tropical and subtropical countries. Prior to our current study, in this research interested to determine whether this important group of viruses was similarity diverse as a several monocot and dicots potyviruses. The extent of diseases causes specifically by potyvirus, however, was not thoroughly investigated although the phylogenetic relationships and classification among the potyvirus were characterized of many plants. This study would be conducted to characterize of potyviruses and associated to other viruses infecting a large range of agricultural commodities and orchard plants to determine the presence of potyvirus species are emerged from one virus and that may addressed further insight into poytvirus occurrence and distribution. The first year of totally three years of this research plan will be addressed some important information to make a transgenic plant which resistant to potyviral and to increase the agricultural production. For the first year of this research conducted, 1. collected some natural infected plant, 2. propagation of the virus isolates, 3. serologically test and detection of the viruses by RT-PCR, 4. characterization of the virus transmission by its vector, 5. isolation and purification of the potyvirus DNA products, 5) partial sequencing of the viruses genomic, 6. sequence and phylogenetic analysis, distribution of potyvirus. The result of this first year research showed that some of the potyvirus has been infected several crops in South Sulawesi and it has widely alternative host. Although, the viruses that infected plants have a genetic variability based on serologically test and molecular characteristic by RT-PCR method.

Moreover, the sequencing analysis will be given an accurate phylogeny data and phylogenetic framework, epidemiology and evolution of the potyvirus.

***Keywords : RT-PCR, genetic variability, and potyvirus***